

玉米粒重一致性 QTL 整合图谱的构建及元分析

王禹贺,于立伟,张 林
(东北农业大学,黑龙江 哈尔滨 150030)

摘要:为进一步研究候选基因发掘、克隆以及基因组结构,在生物信息学基础上,利用公共网络资源上已发表的 149 个玉米粒重相关 QTL 位点信息,初步探讨了玉米粒重“一致性”QTL 发掘。结果表明:构建出一个包含了 80 个玉米粒重 QTL 位点的整合图谱,并在第 7 染色体上确定出一个“一致性”QTL,由标记 bcd349 和 gpm760a 界定,置信区间为 463.29~505.50,间距 42.21 cM。

关键词:玉米;生物信息学;粒重 QTL;元分析

中图分类号:S513 **文献标识码:**A **文章编号:**1002-2767(2015)07-0004-05 DOI:10.11942/j.issn1002-2767.2015.07.0004

随着生物信息学的不断发展,使通过玉米基因组数据库发掘性状遗传信息成为可能。精细定位 QTL、分析 QTL 真实的遗传效应、了解 QTL 与遗传背景互作等是在针对数量性状 QTL 进行改良之前尤为重要的基础研究。李雪华等^[1]在干旱条件下,对玉米农艺性状和生理性状相关的 181 个 QTL 进行整合,从中获得 15 个耐旱“一致性”QTL;徐洁等^[2]收集 362 个与干旱性相关 QTL,并通过元分析获得了与玉米干旱相关的 19 个“一致性”QTL;吉海莲等^[3]收集整合多个玉米丝黑穗病 QTL,利用元分析技术得到 2 个抗病“一致性”QTL。王晓丽等^[4]收集整合 221 个与玉米产量及构成因子相关的 QTL,并在玉米第 6 染色体上确定出 1 个包含 3 个产量构成性状“一致性”QTL。

本研究运用生物信息学手段,借助玉米 IBM 高密度遗传图谱,整合公开发表的玉米粒重性状相关 QTL 信息,构建出玉米粒重 QTL 整合图谱,进一步采用元分析方法确定玉米粒重“一致性”QTL。本试验对玉米粒重“一致性”QTL 发掘进行了初步探讨。

1 材料与方法

1.1 玉米粒重相关 QTL 信息的收集与整理

单位面积籽粒产量一般由粒重×穗行数×行粒数×穗数构成^[5],粒重作为玉米产量构成重要性状之一,一直备受重视,因此本试验选择粒重作为研究性状。利用网络资源,对玉米粒重相关 QTL 信息进行收集,按 QTL 名称、全名、染色体、坐标、区段、临近主要标记、图谱、作图群体以及文献等进行整理^[6],整理方式见表 1。

表 1 玉米粒重 QTL 信息收集

Table 1 Compiling QTL information related to kernel weight of maize

名称 QTL	全名 Full name	染色体 Chro No.	坐标 Coordinate	区段 Bin No.	临近主要标记 Adjacent markers	图谱 Map	作图群体 Mapping panel	文献 References
qgrwt10	QTL grain weight 10	7L	134.8	7.04	bnl6, 06b-csu154c (eif5A)	Pioneer com- posite 1999 7	Ki3/CML139 F2. B	Bohn 1997 ^[7]
q100k1	QTL 100-kernel weight1	9	63.4	9.03	sus1 sucrose syn- thase1-wx1 waxy1	Pioneer com- posite 1999 9	B73/ Mo17 F2	Beavis W D, et al. 1994a ^[8]

L:染色体长臂。

L: long arm of chromosome.

1.2 玉米粒重相关 QTL 信息的整合

将所收集的 QTL 信息按照 BioMercator2-1

软件操作要求整理,以 IBM2 2005 Neighbors 为参考图谱整合不同来源的 QTL;借助临近分子标记,将 QTL 定位的实际图谱(即原始图谱)与参考图谱加以比对。采用映射(projection)的方法^[5],即通过齐序函数(homothetic function)计算共有标记间距,将原始 QTL 的最大可能性位置及置信区间的两端标记按比例标注到参考图谱

收稿日期:2015-06-16

第一作者简介:王禹贺(1993-),男,黑龙江省哈尔滨市人,在读学士,从事遗传育种研究。

通讯作者:张林(1981-),男,博士,副教授,从事玉米遗传育种研究,E-mail: neauzla@163.com。